

실내 클라이밍 짐 홀드의 관리방법에 따른 미생물 오염에 관한 연구

김지인 , 신혜진 , 정유정 , 서해송 , 오기택 , 박용후 , 김성균* 

서울대학교 보건대학원 환경보건학과

A Study on Microbial Contamination according to Effective Management Strategies of Indoor Climbing Gym Holds

Ji-In Kim, Hyejin Shin, Yujeong Jeong, Haesong Sher, Gitaek Oh, Yonghoo Park, and Sungkyoon Kim*

Department of Environmental Health Sciences, Graduate School of Public Health, Seoul National University

ABSTRACT

Background: Despite the rise in the number of domestic indoor climbing gyms, there is a lack of specific hygiene standards and research on the holds installed in them. Holds can act as vectors for microbial transmission through the hands, posing a risk of infectious diseases, especially with damaged skin.

Objectives: The aim of this study is to investigate the contamination level and species of microorganisms on holds according to the management methods practiced in indoor climbing gyms and identify effective strategies for reducing microbial contamination.

Methods: We investigated factors that may influence microbial contamination of holds, including hold management methods, user information, and hygiene management at three climbing gyms in Seoul. A total of 72 holds were sampled, 18 for each management method of brushing, high-pressure washing, and ethanol disinfection. Samples were cultured on LB and blood agar at 37°C for 48 hours to calculate CFUs. PCR assay targeting 16S rRNA was carried out to identify microorganisms. Dunn-Bonferroni was employed to see the microbial reduction effect of the management method and the difference in microbial contamination by management method and climbing gym.

Results: As a result of microbial identification, microorganisms such as *Bacillus*, *Staphylococcus*, and *Micrococcus*, which were derived from various environments such as skin and soil, were discovered on the surface of the climbing hold. Among the discovered microorganisms, some species had potential pathogenic properties that could cause food poisoning, gastrointestinal disease, bacteremia, and sepsis. All hold management methods were effective in reducing microorganisms ($p < 0.05$), with ethanol disinfection being the most effective ($p < 0.001$).

Conclusions: Our results indicate that there are potential pathogens on holds that demand thorough management for microbial prevention. Proposed methods include regular brushing and ethanol disinfection in addition to high-pressure washing with long cycles, which are the existing forms of hold management. Further studies on shoe management are advised to curb soil-derived microorganisms.

Key words: Climbing gym, hold management, microorganism

Received February 6, 2024

Revised April 5, 2024

Accepted April 6, 2024

Highlights:

- Indoor climbing gym holds lack sufficient hygiene standards and microbiological studies.
- Discovered potential pathogens like *Bacillus* and *Staphylococcus* derived from skin and soil sources.
- Ethanol disinfection proved most effective in reducing microorganisms on climbing holds.
- We suggest regular brush use and ethanol disinfection, complementing current cleaning methods.
- Additional studies are needed on shoe management to reduce soil-derived microorganisms.

*Corresponding author:

Department of Environmental Health Sciences, Graduate School of Public Health, Seoul National University, 1 Gwanak-ro, Gwanak-gu, Seoul 08821, Republic of Korea

Tel: +82-2-880-2732

Fax: +82-2-762-2888

E-mail: ddram2@snu.ac.kr

I. 서 론

실내 클라이밍 짐은 실내에서 등반을 할 수 있도록 인공적으로 구조물을 설치한 인공 암벽장이다. 스포츠클라이밍은 올림픽 종목으로 채택되며, 색다른 이색 취미 생활이자 날씨에 구애 받지 않는 운동 활동으로 많은 인기를 끌고 있다. 그에 따라, 실내 클라이밍 짐 시설 및 이용자 수도 크게 증가하였으며, 국내 인공암벽장 수(실외 약 10% 포함)는 2011년 97개소, 2018년 294개소, 2022년 426개소로 증가 현황을 나타내고 있다.¹⁾ 실내 클라이밍 짐 수의 증가와 함께 국내 인공암벽장업의 시설 기준, 안전·위생 기준 등이 「체육시설의 설치·이용에 관한 법률」개정(2021. 6.)으로 마련되었다. 그러나, 이용자들의 주요 사용도구인 홀드의 위생 기준은 “홀드 내 먼지와 이물질이 쌓이지 않도록 정기적으로 청소를 해야 한다”로만 규정하고 있어, 미비한 실정이다.

홀드는 손과 발을 이용하여 목표지점을 향해 올라갈 수 있도

록 설치한 인공 암벽으로 손과 발을 통해 미생물의 전파 매개체가 될 수 있으며,²⁾ 땀과 굴곡진 홀드 표면 및 홀드 관리의 어려움으로 다양한 미생물들의 번식지가 될 수 있다. 또한, 거친 표면의 홀드를 잡는 과정에서 피부에 상처가 생길 수 있다. 이러한 피부 손상은 병원체의 침투를 용이하게 할 뿐 아니라, 혈액 매개 병원체의 전파 가능성을 높여 미생물 오염으로 인한 위험이 더욱 높아질 수 있다.^{3,4)}

그러나, 실내 클라이밍 짐의 미생물학적 연구는 부족한 상황으로, 미국의 실내 클라이밍 짐 홀드에서의 미생물 연구가 유일한 사례이다. 이 연구에서는 대변, 토양, 손으로부터 유래된 잠재적 병원성 미생물들이 홀드에서 다수 발견되었다.⁵⁾ 그 외 관련 연구로는 피트니스 센터 및 체조시설에서의 운동 장비에 존재하는 미생물에 대한 연구를 확인할 수 있었다. 해당 연구를 통해 피트니스 센터에서는 청소 일정, 통풍, 온도가 미생물 성장에 주요한 영향을 미친다는 것을 알 수 있었다.⁶⁾ 체조 시설에서는 손과 발의 접촉 빈도 및 땀 여부가 미생물 성장의 주요 요

Table 1. Investigation of characteristics for each climbing gym

	Items	Gym A	Gym B	Gym C
Environment variables	Date	2023-07-26	2023-07-27	2023-07-29
	Temperature	23.2°C	21.1°C	27.0°C
	Humidity	64%	70%	72%
	Ventilation cycle	5 minutes, 1 time/2~3 hours	Natural ventilation and air conditioning operation	20~30 minutes, 3 times/day
	Height	3.6 m	6.7 m	3.9~4.0 m
	Area	478.6 m ²	628.3 m ²	513.4 m ²
Hold management	How to manage holds	High pressure water, Brush	High pressure water, Brush	High pressure water, Brush
	Hold management cycle	1 time/month	1 time/month	1 time/4 weeks
User information	Number of daily users	Weekday: 40 Weekend: 80~90	Weekday: 70~80 Weekend: 100~120	50
	Major user age	20~30	20~30	20~30
	Gender ratio	7 (male):3 (female)	5 (male):5 (female)	Male>female
Hygiene management	Floor cleaning cycle	Every day	Every day	Every day
	Shoes washing cycle	Odor removal only	Unknown	1 time/year
	Number and location of sinks	6	5, foot-washing station nearby	5, foot-washing station nearby
	Soap/antibacterial hand sanitizer	Liquid soap	Antibacterial hand sanitizer	Liquid soap
	Food available	Food available	Only food available at 2nd floor lounge, drink available	Simple food available (drinks, kimbap, bread)
Etc	Chalk usage status	Mostly personal liquid chalk is used Common powdered chalk can be used	Mostly personal liquid chalk is used Common powdered chalk can be used	Mostly personal liquid chalk is used Common powdered chalk can be used
	Factors that affect holds cleanliness	A lot of jumping Mainly used holds underneath	Blood stains	Sweat, shoe sole

인으로 나타났으며, 포도상구균(*Staphylococcus*) 및 코리네박테리아세아(*Corynebacteriaceae*)와 같은 기회성 병원균이 주로 발견되었다.⁷⁾

따라서, 본 연구에서는 국내 실내 클라이밍 짐을 대상으로 이용자들이 자주 접촉하는 홀드의 표면 미생물 오염도를 살펴 보았다. 또한, 홀드의 관리방법에 따른 미생물의 오염 양상을 확인하였으며, 실내 클라이밍 집별로 미생물 오염도에 영향을 미칠 수 있는 요인들을 고려하여 홀드 관리의 방안 수립에 있어서의 기초 연구자료를 제공하고자 한다.

II. 재료 및 방법

1. 현장 조사

서울특별시 내 3곳의 실내 클라이밍 짐을 미생물 채취 현장으로 섭외하여, 각 짐의 특성을 상세하게 조사하였다. 이 조사에서는 기초적인 환경정보 뿐만 아니라, 홀드 관리 방법 및 주기, 이용자 정보, 위생 관리 등과 같은 홀드의 미생물 오염에 직접적인 영향을 줄 수 있는 항목들을 조사하였다. 자세한 조사 내용은 Table 1에 나타내었다.

2. 관리방법 선정

2.1. 선정경위

관리방법을 선정하기 위해 실내 클라이밍 짐을 사전 방문하여 현행 관리방법을 조사하였다. 현재 클라이밍 짐에서는 '브러시로 탄산마그네슘 가루를 제거하는 방법'과 '고압의 물로 세척하는 방법'을 사용하고 있었다. 이러한 방법들을 본 연구의 관리방법으로 선정하여, 현행 관리방법의 실패를 파악하기로 하였다. 또한, 미생물 수와 관련이 높을 것으로 예상되는 방법인 '70% 에탄올로 소독하는 방법'을 추가로 고려하여, 총 3가지의 관리방법을 선정하였다(Fig. 1).

2.2. 관리방법 내용

대조군으로 사용된 '관리 전' 홀드는 관리 후 사용기간이 최소 2주가 경과한 홀드를 사용하였다. '브러시로 탄산마그네슘 가루를 제거하는 방법'은 클라이밍 짐에서 행해지는 방법과 동일하게, 멸균되지 않은 브러시를 사용하여 미끄러지지 않도록 탄산마그네슘 가루를 털어내는 정도로 진행하였다. '고압의 물로 세척하는 방법'은 클라이밍 짐 측에서 직접 고압세척기를 이용하여 진행되었으며, 현장에서 채취 직전에 고압세척을 할 수 있는 여건이 되지 않아, 고압세척 후 1~2일 동안 보관된 홀드를 채취하였다. '70% 에탄올로 소독하는 방법'은 70% 농도로 희석한 에탄올을 분무한 뒤 10분 후에 미생물을 채취하였다.⁸⁾

3. 미생물 채취

3.1. 채취 대상

관리 전(대조군) 18개, 관리 후 54개, 총 72개의 홀드를 선정하여 샘플을 채취하였다. 홀드는 주요 구간에 위치해 있어 사용 흔적이 많은 것으로 선정하였다.

3.2. 채취 방법

멸균 식염수에 적신 멸균 면봉을 사용하여 홀드에서 손으로 쥐는 부분을 대략 50 cm² 정도 채취하였다. 미생물의 채취율을 최대화하기 위해 가로, 세로, 대각선 방향으로 닦아 면봉의 앞뒤에 골고루 묻혀주었다. 면봉은 4 mL의 멸균 식염수가 담긴 원뿔형 튜브에 넣고 아이스박스에 담아 실험실로 이동시켰다.⁹⁾

4. 미생물 배양

4.1. 배지 선정

선행연구⁵⁾의 결과를 기반으로, 클라이밍 홀드에서 주로 많이 발견되는 대장균(*E.coli*)을 비롯한 일반적인 그람 음성 박



Fig. 1. How to manage holds. (A) How to remove magnesium carbonate powder with a brush. (B) Washing method with high pressure water. (C) Disinfection method with 70% ethanol.

테리아를 검출하기 위해 LB agar (Difco, USA)를 선정하였다.⁹⁾ 더불어 클라이밍 홀드에서 많이 발견된 포도상구균 (*Staphylococcus*), 연쇄상구균(*Streptococcus*)을 비롯한 용혈

성 병원균의 존재 여부를 확인하기 위해 Blood agar (MB Cell, Korea)를 선정하였다.^{10,11)}

Table 2. Number of CFUs according to climbing gym, medium, management method

No.	Gym	Medium	Before (control)	Brush	High pressure	Ethanol
1	A	LB Agar	8,000 (TNTC)	64	104	8
2			536	96	80	136
3			5,632	336	152	48
4			120	160	NA	8
5			2,440	96	NA	0
6			296	96	NA	0
7		Blood Agar	8,000 (TNTC)	152	432	NA
8			640	5,824	80	NA
9			7,072	5,120	1,392	1,504
10			12,224	1,520	NA	NA
11			3,520	2,200	NA	1,128
12			688	256	NA	48
13	B	LB Agar	336	24	176	32
14			784	0	244	0
15			152	88	196	8
16			968	48	128	0
17			968	64	96	72
18			3,512	448	348	0
19		Blood Agar	472	56	156	8
20			992	72	292	16
21			552	136	680	0
22			912	112	84	8
23			1,408	80	68	136
24			320	128	796	88
25	C	LB Agar	536	16	728	112
26			8,000 (TNTC)	336	152	0
27			784	0	152	24
28			1,760	392	424	72
29			136	264	120	32
30			1,096	104	176	96
31		Blood Agar	616	64	496	192
32			5,440	384	80	32
33			968	0	48	8
34			3,176	248	376	104
35			536	376	48	32
36			1,288	104	72	56
Sum			84,880	19,464	8,376	4,008
Mean			2,358	541	279	121
Microbial removal rate				77.1%	88.2%	94.8%

Unit: CFU/50 cm², Microbial removal rate=[1-(Number of CFUs after management/Number of CFUs before management)]×100.

Before: before management, TNTC: too numerous to count, NA: not available.

Table 3. Number, source and pathogenicity of microorganisms identified through 16S rRNA base sequence analysis

Genus	Species	Number	Source	Pathogenicity
<i>Bacillus</i>	<i>Bacillus stercoris</i>	10	Soil ¹⁴⁾	Gastrointestinal diseases ¹⁵⁾
	<i>Bacillus toyonensis</i>	5	Soil ¹⁵⁾	
	<i>Bacillus paramycoides</i>	4	Soil ¹⁶⁾	
	<i>Bacillus subtilis</i>	2	Soil, marine, food ¹⁷⁾	
	<i>Bacillus tropicus</i>	2	Marine ¹⁸⁾	
	<i>Bacillus zanthoxyli</i>	2	Soil ¹⁹⁾	
	<i>Bacillus velezensis</i>	2	Soil ²⁰⁾	
	<i>Bacillus safensis</i>	2	Spacecraft and assembly-facility surfaces ²¹⁾	
	<i>Bacillus proteolyticus</i>	2	Soil ²²⁾	Spondylitis and bacteremia ²⁵⁾
	<i>Bacillus tequilensis</i>	2	Soil ²³⁾	
	<i>Bacillus rugosus</i>	1	Marine ²⁴⁾	
	<i>Bacillus licheniformis</i>	1	Wide range ²⁵⁾	
	<i>Bacillus thuringiensis</i>	1	Soil ²⁶⁾	
	<i>Bacillus paralicheniformis</i>	1	Food ²⁷⁾	
	<i>Bacillus clarus</i>	1	Soil ²⁸⁾	
	<i>Bacillus cereus</i>	1	Food, soil ²⁹⁾	Gastrointestinal (GI) syndrome ²⁹⁾
<i>Staphylococcus</i>	<i>Staphylococcus epidermidis</i>	5	Skin ³⁰⁾	Infectious pathogen ³⁰⁾
	<i>Staphylococcus argenteus</i>	3	Food ³¹⁾	Foodborne diseases ³¹⁾
	<i>Staphylococcus equorum</i>	3	Food ³²⁾	Enterotoxin production ³²⁾
	<i>Staphylococcus taiwanensis</i>	3	Human blood ³³⁾	Bacteraemia ³³⁾
	<i>Staphylococcus edaphicus</i>	2	Soil ³⁴⁾	Meningitis, endocarditis, prosthetic joint infections ³⁵⁾
	<i>Staphylococcus haemolyticus</i>	2	Skin ³⁵⁾	
	<i>Staphylococcus warneri</i>	2	Skin ³⁶⁾	
	<i>Staphylococcus capitis</i>	1	Skin ³⁷⁾	Bacteremia ³⁶⁾
<i>Micrococcus</i>	<i>Micrococcus yunnanensis</i>	5	Roots of <i>Polyspora axillaris</i> ³⁹⁾	Sepsis ³⁷⁾
	<i>Micrococcus aloeverae</i>	4	Aloeverae ⁴⁰⁾	Food poisoning ³⁸⁾
	<i>Micrococcus luteus</i>	1	Skin ⁴¹⁾	Pneumonia ³⁹⁾
	<i>Corynebacterium</i>	2	Genital tract ⁴²⁾	Peritonitis ⁴⁰⁾
	<i>Corynebacterium ureicelerivorans</i>	2	Blood ⁴³⁾	Hepatic and brain abscess, native valve endocarditis ⁴¹⁾
<i>Paenibacillus</i>	<i>Paenibacillus provencensis</i>	2	Human cerebrospinal fluid ⁴⁴⁾	Bacterial vaginosis ⁴²⁾
	<i>Paenibacillus naphthalenovorans</i>	1	Sediment ⁴⁵⁾	Septicaemia ⁴³⁾
<i>Paracoccus</i>	<i>Paracoccus yeei</i>	2	Environmental ⁴⁶⁾	Peritoneal dialysis peritonitis ⁴⁶⁾
<i>Calidifontibacillus</i>	<i>Calidifontibacillus erzurumensis</i>	2	Hot spring ⁴⁷⁾	
<i>Cytobacillus</i>	<i>Cytobacillus purgationiresistens</i>	2		
<i>Peribacillus</i>	<i>Peribacillus acanthi</i>	2		
<i>Virgibacillus</i>	<i>Virgibacillus subterraneus</i>	1	Soil ⁴⁸⁾	

4.2. 배양 방법

배양은 미생물의 사멸을 최대한 줄이기 위해 채취 당일에 진행하였다. 채취한 샘플용액의 500 μL 를 배지에 분주하고 스프레더로 도말하여 37°C에서 48시간 배양하였다.¹²⁾

5. 미생물 식별

5.1. 집락수(CFU) 계산

48시간 배양 후, 배지에 형성된 미생물들의 집락수를 계수하였다. 계수된 집락수에 8 (4 mL/500 μL)을 곱하여 'CFU/50 cm^2 '를 단위로 결과를 나타내었다.

5.2. 미생물 동정

배양된 배지에서 서로 다른 형태를 나타내는 콜로니들을 선별하였다. 주로 관리되기 전의 배지에서 콜로니들이 선별되었고, LB agar에서는 20개, Blood agar에서는 24개를 선별하였다. 선별된 콜로니에서 추출된 DNA를 주형으로, 16s rRNA 증폭과 염기서열 분석을 의뢰하였다(Cosmo Genetech Corp., Korea). 증폭은 27f/1492r primer를 사용하여 양방향으로 진행하였다.¹³⁾ 얻어진 염기서열은 미국 NCBI (National Center for Biotechnology Information) BLAST를 통해 분석하여 미생물종을 식별하였다.

6. 결과분석 및 통계처리

관리방법의 미생물 감소효과와 관리방법 및 클라이밍 짐별 미생물 오염도 차이를 비교하기 위해 Kruskal-Wallis (K-W test) 비모수 검정을 실시하였다. 집단간에 유의한 차이가 있는 경우, 사후 분석으로 Dunn's Test를 실시하였으며, 제1종 오류를 보정하기 위해 Bonferroni 방법을 이용하였다. 미생물이 너

무 많이 검출되어 계수할 수 없는 경우(Too numerous to count, TNTC)는 측정 최대값인 8,000 CFU/50 cm^2 로 대체하였으며, 그 외 결측치는 통계처리에서 제외하였다. 통계적으로 유의한 차이의 기준은 $p < 0.05$ 로 설정하였다. 모든 통계분석은 R software version 4.3.1 (R Project for Statistical Computing, Vienna, Austria)로 수행하였다.

III. 결 과

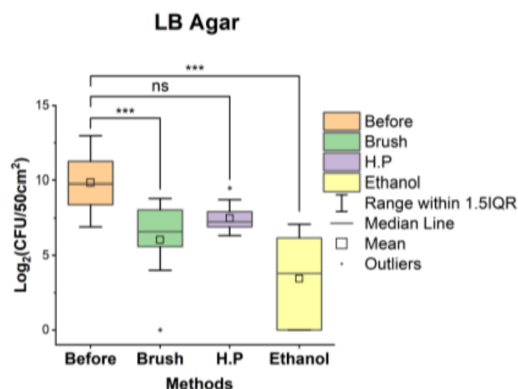
1. 미생물 집락수(CFU) 확인

미생물을 배양한 후 계수된 집락수(CFU/50 cm^2) 결과를 Table 2에 나타내었다. 클라이밍 짐, 배지 및 관리방법별로 미생물 집락수를 구분하였으며, 전체적으로 미생물 집락수가 0~8,000 사이로 집계되었다. 실험과정에서의 오류로 인해 측정하지 못한 경우는 'NA'로 표시하였고, 집락수가 너무 많이 검출되어 계수할 수 없는 경우는 측정 최대 값인 8,000으로 대체하여 '8,000 (TNTC)'로 표시하였다. 미생물 집락수의 확인을 통해 관리방법의 미생물 제거효과를 확인할 수 있었으며, 미생물 제거율은 에탄올이 94.8%, 고압세척이 88.2%, 브러시가 77.1%로 에탄올, 고압세척, 브러시 순으로 미생물 제거효과가 높았다.

2. 홀드에 존재하는 미생물 종 확인

선별된 총 44개의 콜로니의 미생물 종을 분석한 결과, *Bacillus* 속이 가장 많았으며, 그 다음으로는 *Staphylococcus* 속이 뒤를 이었다. 그 외에 *Micrococcus*, *Corynebacterium*, *Paenibacillus*, *Paracoccus*, *Calidifontibacillus*, *Peribacillus*, *Virgibacillus* 속과 같은 다양한 미생물들이 확인되었다. 이들 미생물의 출처와 병원성은 여러 연구를 참고하여 확인할 수 있

(A)



(B)

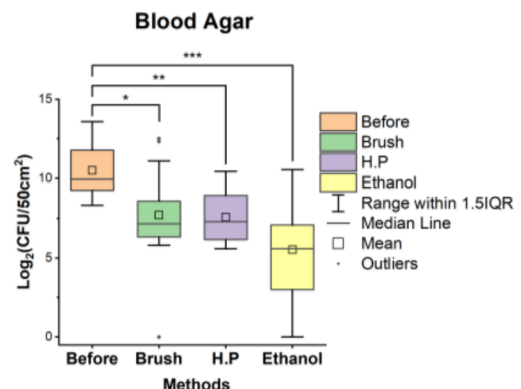


Fig. 2. Total number of microbial colonies (Log_2 (CFU/50 cm^2)) by management method. (A) On LB agar. (B) On Blood agar (Dunn-Bonferroni, p-values * <0.05 , ** <0.01 , *** <0.001 , ns (not significant) ≥ 0.05). Before: before management, H.P: high pressure water, IQR: interquartile range.

었다. 주로 토양에서 유래된 종이 대부분이었으며, 일부 종은 위장 질환이나 균혈증과 같은 잠재적 병원성을 가지고 있었다 (Table 3).¹⁴⁻⁴⁸⁾

3. 관리 후 미생물 집락수(CFU) 감소 확인

관리 후 미생물 집락수 감소의 유의성을 확인하기 위해 통계분석을 실시하였다. LB agar에서의 고압세척 방법을 제외하고는 모든 홀드 관리방법들이 홀드를 관리하기 전에 비해 집락수가 유의하게 감소하였다($p < 0.05$). 특히, 에탄올 소독 방법은 LB agar와 Blood agar 모두에서 집락수 감소에 가장 효과적이었다($p < 0.001$) (Fig. 2).

4. 관리방법별 미생물 집락수(CFU) 비교

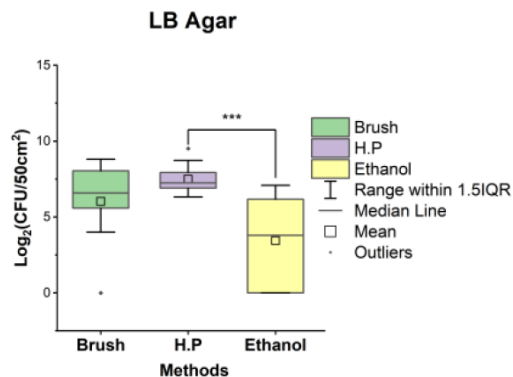
세 가지 관리방법들 간의 미생물 감소 차이를 확인하기 위해

통계분석을 실시하였다. 관리 전을 제외하고 각각의 관리방법별 미생물 집락수를 비교하였으며, 결과는 Fig. 3에 나타내었다. 이에 따르면, LB Agar에서의 에탄올 소독과 고압세척 사이에에만 유의한 차이가 있음을 확인할 수 있었다. 에탄올 소독은 고압세척에 비해 유의하게 미생물 수를 감소시켰으며($p < 0.01$), 이는 에탄올 소독이 가장 효과적인 관리방법임을 시사했다.

5. 클라이밍 짐별 미생물 집락수(CFU) 비교

클라이밍 짐별 미생물 오염 실태를 비교하기 위해 통계분석을 실시하였다. 관리하기 전의 미생물 집락수를 비교하였으며, 결과는 Fig. 4와 같이 확인되었다. 이에 따르면, LB Agar 및 Blood agar에서 클라이밍 짐 3곳 모두, 유의한 차이를 보이지 않았다($p \geq 0.05$). 이는 Table 1에서 확인할 수 있듯이, 홀드 관리방법과 관리주기 등의 홀드 관리와 온도, 습도 등의 환경 변

(A)



(B)

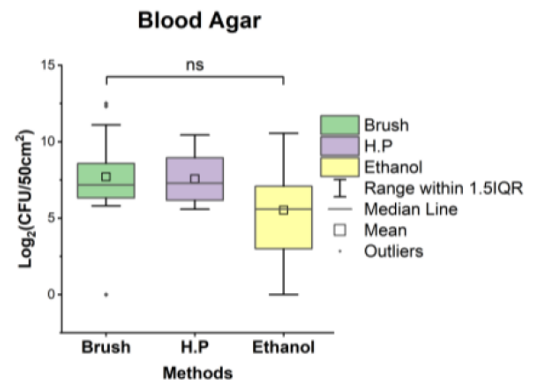
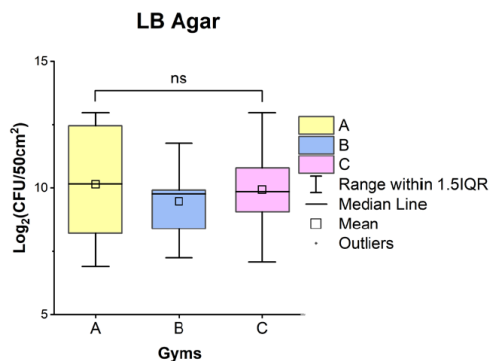


Fig. 3. Comparison of microbial colony count (Log_2 (CFU/50 cm^2)) by management method. (A) On LB agar. (B) On Blood agar (Dunn-Bonferroni, p-values $* < 0.05$, $** < 0.01$, $*** < 0.001$, ns (not significant) ≥ 0.05). H.P: high pressure water, IQR: interquartile range.

(A)



(B)

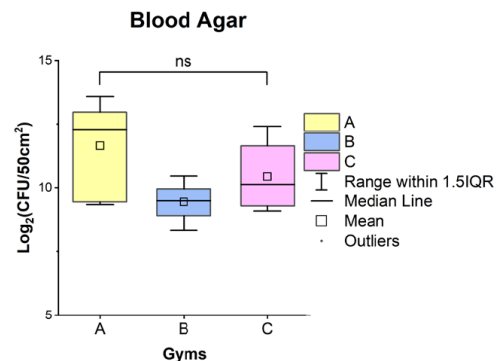


Fig. 4. Comparison of microbial colony count (Log_2 (CFU/50 cm^2)) by climbing gym. (A) On LB agar. (B) On Blood agar (Dunn-Bonferroni, p-values $* < 0.05$, $** < 0.01$, $*** < 0.001$, ns (not significant) ≥ 0.05). IQR: interquartile range.

수와, 이용자 수, 나이, 성별 등의 이용자 정보와 청소 주기, 비누 사용여부, 개수대의 수 등의 위생 관리 부분에서 유사성을 보인 결과라고 예측한다.

IV. 고 찰

홀드 관리방법에 따라 미생물의 집락수를 측정함으로써, 홀드의 관리방법과 홀드 표면의 미생물 오염 사이에 유의한 관련성을 확인할 수 있었다. 홀드를 관리하기 이전의 미생물 수는 홀드를 관리하기 이후보다 유의하게 높았으며, 에탄올 소독이 미생물 수를 가장 효과적으로 낮추는 방법으로 나타났다. 고압 세척의 경우, 채취하기 바로 직전에 홀드를 세척하지 않고, 세척 후 보관하고 있었기에 에탄올 소독에 비해 미생물 수가 다소 나온 것으로 추정한다. 브러시로 세척한 홀드의 경우, 클라이밍 할 때 미끄러지지 않도록 탄산마그네슘 가루를 제거하는 정도의 관리로 예상되었지만, 미생물 수가 관리 전보다 현저히 감소한 것으로 나타났다.

본 연구에서는 동일한 홀드 내에서 관리 전과 후의 미생물 수를 직접 비교하지 않았기 때문에 관리방법의 미생물 감소 효과를 명확하게 평가하는 데 한계가 있다. 하지만 이러한 이유로 동일한 홀드 내에서 관리 전후 모두를 채취하는 것은 관리 후의 미생물 수에 불확실성을 초래할 수 있다. 홀드 표면의 미생물을 채취하기 위해 멸균 식염수에 적신 면봉으로 관리 전 홀드를 닦아야 하는데, 이 닦여 있는 홀드에 관리방법을 실행하고 관리 후의 샘플을 채취해야 하기 때문이다. 닦인 부위를 피해서 관리 후의 샘플을 채취하기 위해, 1개의 홀드에서 관리 전과 후로 채취 면적을 나누려고 시도했으나, 이는 현실적인 어려움이 있었다. 홀드에서 손이 자주 접촉되는 주요 부위는 한정적이었고 정확한 경계가 없었는데, 그 주요 부위를 나누어야 했기 때문이다. 부위가 나뉘지더라도 미생물 수가 적절한 범위로 검출되어야 했고, 주요 부위를 정확하게 등분해야 했다. 또한, 면봉으로 닦인 부위를 제외하고 관리방법을 적용하는 것도 어려움이 있었다. 따라서 1개의 홀드에서 관리 전후를 모두 측정하는 것보다는 관리 전과 각각의 관리방법에 따라 각기 다른 홀드를 사용하여 관리방법에 따른 미생물 수 차이가 통계적으로 유의한지 확인하고자 하였다. 즉, 관리 전과 관리방법별 샘플링한 홀드의 미생물 수를 표본으로 사용하여 각각의 모수를 추정하고 이러한 추정량을 비교하여 관리 효과의 유의성을 확인하고자 하였다.

클라이밍 짐별로는 미생물 수의 유의한 차이를 볼 수 없었다. 미생물 증식에 영향을 끼치는 주요 요소인 온도 및 습도 등의 실내환경⁴⁹⁾은, 클라이밍 짐 3곳 모두 유사했으며 특히, 클라이밍 홀드의 관리주기와 방법이 유사하여 유의한 차이를 확인할 수 없었을 것으로 예측한다. 모든 클라이밍 짐들은 홀드를 한 달 정도의 주기로 고압세척하고 있었다.

홀드에 존재하는 미생물의 정량적인 위험을 파악하고자 하였으나, 관련 기준규격이 부재하였다. 대안으로, 클라이밍 집에서 음식을 섭취할 가능성을 고려하여 식약처의 식품안전관리 인증기준(HACCP)을 참고하였다. HACCP에서는 식품 작업장의 표면 오염도 기준규격을 ‘일반세균: 103 CFU/10 cm² 이하’⁵⁰⁾로 설정하였으며, 이를 본 연구에서 사용되는 단위로 환산하면 ‘50,000 CFU/50 cm² 이하’이다. 이 기준은 관리 전 홀드에서 나온 3번의 TNTC인 경우에 초과될 수 있을 것으로 보이며, 따라서 클라이밍 집에서 음식을 섭취할 경우, 위해성이 다소 있을 수 있다고 판단된다.

선행 연구에서 실내 클라이밍 짐 홀드 표면에 발견된 미생물들은 등산화, 손 및 환경에서 유래되었다고 보고하였다. 일반적으로 기회감염병원체가 많이 포함된 인간 기원의 미생물들이 상대적으로 적은 수준이었지만, 이로 인해 건강에 위험을 초래할 수 있다는 추론이 있었다. 발견된 주요 미생물은 *Escherichia*, *Staphylococcus*, *Streptococcus*, *Cyanobacteria*, *Comamonadaceae*로, 그중 가장 많이 발견된 *Escherichia* 속은 가정용 반려동물의 분변에서 유래될 가능성이 있다고 설명했다.⁵⁾ 선행 연구에서 발견된 미생물 중, 본 연구와 동일하게 발견된 미생물은 *Staphylococcus*, *Streptococcus*였다.

본 연구에서 클라이밍 홀드 표면에 발견된 *Bacillus*, *Staphylococcus*, *Micrococcus*, *Corynebacterium* 등의 다양한 미생물들은 여러 연구들을 통해 확인된 결과, 환경이나 인체의 특정 부분에 존재하며, 인간에게 직접적인 위험을 가지지 않지만, 잠재적인 병원성을 가지고 있음이 확인되었다(Table 3).

Bacillus 속은 인간에 상주하기 보다는 다양한 환경에서 생존할 수 있는 미생물로 알려져 있으며, 공기, 물, 토양 등 자연계에 널리 존재한다.⁵¹⁾ 특히, 홀드에서 발견되는 *Bacillus stercoris*, *toyonensis* 및 *paramycoides*는 토양에서, *subtilis*는 토양 및 해양에서 나타나는 미생물이다.¹⁴⁻¹⁷⁾ 이러한 결과는 홀드에서 발견된 미생물이 손으로부터만 유래된 것이 아니라 다양한 환경에서 유래될 수 있다는 것을 시사한다. 특히, 토양에서 유래된 미생물은 신발을 신고 클라이밍 홀드를 오를 때 전이된 것이라 추정된다.

Staphylococcus 속은 주로 인간의 피부에 서식하는 미생물로 알려져 있으며, *Micrococcus* 속과 *Corynebacterium* 속 또한 인간의 상주균으로, 기회 감염을 일으킬 수 있다.⁵²⁾ 특히, *Staphylococcus* 속은 수막염, 심내막염, 균혈증 및 패혈증과 같은 질병을 유발할 수 있으며,^{30,33,35-37)} 음식에 존재할 경우, 식중독의 원인이 될 수 있다.^{31,32,38)}

현재, 클라이밍 집에서 실시하고 있는 홀드 관리방법은 고압 세척으로, 미생물 제거에 있어서 효과적인 방법으로 알려져 있다.⁵³⁾ 그러나, 고압세척의 주기는 약 한 달로 나타났으며, 이 기간 동안 잠재적인 병원성을 가지는 미생물의 번식을 막기 위한 추가적인 홀드 관리가 필요하다.

미생물 제거를 위한 표면 소독법으로는 차아염소산나트륨 및 70~90% 에탄올과 같은 전통적인 방법이나 바이러스의 DNA를 파괴할 수 있는 자외선(UV) 방사선 및 나노 스프레이 등과 같은 현대적인 방법이 사용될 수 있다.⁵⁴⁾ 그중 실내 클라이밍 짐 종사자가 손쉽게 시중에 구하여 사용할 수 있는 에탄올 소독제와 브러시의 미생물 제거 효과를 본 연구에서 확인한 결과, 효과적임을 확인할 수 있었다.

따라서, 한 달이라는 고압세척 주기 사이에 추가적인 관리를 위해 클라이머들이 이용하는 시간에는 수시로 브러시를 사용하여 홀드 표면의 오염물을 제거하고, 고압세척 후 장기간 보관된 홀드는 사용 전에 에탄올로 분사하여 소독하는 관리 방안을 제안한다. 더 나아가, 토양으로부터 유래된 미생물들을 감소시키기 위해서는 홀드 관리뿐만 아니라 신발 관리가 중요해 보이며, 종합적인 관리방안을 세우기 위한 추가 연구가 필요하다. 향후 실내 클라이밍 짐의 위해성관리 정책을 마련하기 위해 미생물 위해성평가(Microbial risk assessment)를 수행하여, 실제 노출을 정량화하고, 위험도를 결정하는 연구도 필요할 것으로 보인다.

V. 결 론

본 연구는 실내 클라이밍 짐의 홀드에 있는 미생물의 오염도를 살피고 관리방법에 따른 미생물 오염의 감소효과를 확인하고자 관리방법별 홀드에 있는 미생물의 집락수를 측정하고 종을 식별하였다. 고압세척, 에탄올 소독, 브러시 사용의 홀드관리 방법들은 미생물 감소에 효과적이었으며 그중에서 에탄올 소독이 가장 효과가 높았다. 클라이밍 짐들의 홀드 관리 방법 및 주기가 유사했으며 미생물 수도 유의한 차이를 보이지 않았다. 미생물 동정을 진행한 결과, 클라이밍 홀드 표면에서 피부, 토양 등 다양한 환경에서 유래된 미생물들인 *Bacillus*, *Staphylococcus*, *Micrococcus* 등이 발견되었다. 발견된 미생물들 중 일부 종은 식중독, 위장 질환, 균혈증, 패혈증 등을 일으킬 수 있는 잠재적인 병원성을 가졌다. 홀드의 병원성 미생물의 번식을 방지하기 위해 세척 주기가 긴 고압세척 외에도 정기적인 브러시 사용과 에탄올 소독을 권장한다.

감사의 글

이 연구는 서울대학교 보건대학원의 '지역사회보건실습'과 '서울대 창의교육 프로젝트'의 지원으로 진행되었습니다. 지원해 주신 학교 당국에 감사드립니다.

Conflict of Interest

No potential conflict of interest relevant to this article was

reported.

References

1. Yeo KA. A study on measures to improve the legal system for the prevention of safety accidents at the artificial climbing wall. *J Sports Entertain Law*. 2022; 25(2): 97-112.
2. World Health Organization. WHO guidelines on hand hygiene in health care: first global patient safety challenge clean care is safer care. Geneva: WHO; 2009.
3. Schöffel V, Morrison A, Küpper T. Risk of transmission of blood borne infections in climbing - consensus statement of UIAA Medcom. *Int J Sports Med*. 2011; 32(3): 170-173.
4. Stevens DL, Bisno AL, Chambers HF, Everett ED, Dellinger P, Goldstein EJ, et al. Practice guidelines for the diagnosis and management of skin and soft-tissue infections. *Clin Infect Dis*. 2005; 41: 1373-1406.
5. Bräuer SL, Vuono D, Carmichael MJ, Pepe-Ranney C, Strom A, Rabinowitz E, et al. Microbial sequencing analyses suggest the presence of a fecal veneer on indoor climbing wall holds. *Curr Microbiol*. 2014; 69(5): 681-689.
6. Onchang R, Panyakapo M. The physical environments and microbiological contamination in three different fitness centres and the participants' expectations: measurement and analysis. *Indoor Built Environ*. 2014; 25(1): 213-228.
7. Liang Z, Dong CB, Liang H, Zhen YX, Zhou RL, Han YF, et al. A microbiome study reveals the potential relationship between the bacterial diversity of a gymnastics hall and human health. *Sci Rep*. 2022; 12(1): 5663.
8. Moorer WR. Antiviral activity of alcohol for surface disinfection. *Int J Dent Hyg*. 2003; 1(3): 138-142.
9. Edwards T, Sasaki S, Williams C, Hobbs G, Feasey NA, Evans K, et al. Speciation of common Gram-negative pathogens using a highly multiplexed high resolution melt curve assay. *Sci Rep*. 2018; 8(1): 1114.
10. Speers DJ, Olma TR, Gilbert GL. Evaluation of four methods for rapid identification of *Staphylococcus aureus* from blood cultures. *J Clin Microbiol*. 1998; 36(4): 1032-1034.
11. Spellerberg B, Brandt C. Laboratory diagnosis of *Streptococcus pyogenes* (group A streptococci). In: Ferretti JJ, Stevens DL, Fischetti VA, editors. *Streptococcus pyogenes*. Oklahoma City (OK): University of Oklahoma Health Sciences Center; 2016.
12. Arduino MJ, Bland LA, Aguero SM, Favero MS. Effects of incubation time and temperature on microbiologic sampling procedures for hemodialysis fluids. *J Clin Microbiol*. 1991; 29(7): 1462-1465.
13. Frank JA, Reich CI, Sharma S, Weisbaum JS, Wilson BA, Olsen GJ. Critical evaluation of two primers commonly used for amplification of bacterial 16S rRNA genes. *Appl Environ Microbiol*. 2008; 74(8): 2461-2470.
14. Wang B, Peng H, Wu W, Yang B, Chen Y, Xu F, et al. Genomic insights into biocontrol potential of *Bacillus stercoris* LJBS06. *3 Biotech*. 2021; 11(11): 458.
15. Jiménez G, Blanch AR, Tamames J, Rosselló-Mora R. Complete

- genome sequence of *Bacillus toyonensis* BCT-7112T, the active ingredient of the feed additive preparation Toyocerin. *Genome Announc.* 2013; 1(6): e01080-13.
16. Borah SN, Goswami L, Sen S, Sachan D, Sarma H, Montes M, et al. Selenite bioreduction and biosynthesis of selenium nanoparticles by *Bacillus paramycoides* SP3 isolated from coal mine overburden leachate. *Environ Pollut.* 2021; 285: 117519.
17. Kovács ÁT. *Bacillus subtilis*. *Trends Microbiol.* 2019; 27(8): 724-725.
18. Shen N, Yang M, Xie C, Pan J, Pang K, Zhang H, et al. Isolation and identification of a feather degrading *Bacillus tropicus* strain Gxun-17 from marine environment and its enzyme characteristics. *BMC Biotechnol.* 2022; 22(1): 11.
19. Lee YJ. Analysis of the physiological properties and enzyme productivity of halophilic thermophiles from the soil around charcoal kilns. *J Agric Life Environ Sci.* 2021; 33(3): 373-378.
20. Rabbee MF, Ali MS, Choi J, Hwang BS, Jeong SC, Baek KH. *Bacillus velezensis*: a valuable member of bioactive molecules within plant microbiomes. *Molecules.* 2019; 24(6): 1046.
21. Satomi M, La Duc MT, Venkateswaran K. *Bacillus safensis* sp. nov., isolated from spacecraft and assembly-facility surfaces. *Int J Syst Evol Microbiol.* 2006; 56(Pt 8): 1735-1740.
22. Yang P, Zhao Z, Fan J, Liang Y, Bernier MC, Gao Y, et al. *Bacillus proteolyticus* OSUB18 triggers induced systemic resistance against bacterial and fungal pathogens in *Arabidopsis*. *Front Plant Sci.* 2023; 14: 1078100.
23. Kwon HT, Lee Y, Kim J, Balaraju K, Kim HT, Jeon Y. Identification and characterization of *Bacillus tequilensis* GYUN-300: an antagonistic bacterium against red pepper anthracnose caused by *Colletotrichum acutatum* in Korea. *Front Microbiol.* 2022; 13: 826827.
24. Bhattacharya D, de Los Santos Villalobos S, Ruiz VV, Selvin J, Mukherjee J. *Bacillus rugosus* sp. nov. producer of a diketopiperazine antimicrobial, isolated from marine sponge *Spongia officinalis* L. *Antonie Van Leeuwenhoek.* 2020; 113(11): 1675-1687.
25. Kim HS, Lee EJ, Bae EJ, Kim MK, Hur J, Cho OH, et al. A case of *Bacillus licheniformis* spondylitis and bacteremia in a patient with lung cancer. *Infect Chemother.* 2012; 44(6): 512-515.
26. Ibrahim MA, Griko N, Junker M, Bulla LA. *Bacillus thuringiensis*: a genomics and proteomics perspective. *Bioeng Bugs.* 2010; 1(1): 31-50.
27. Dunlap CA, Kwon SW, Rooney AP, Kim SJ. *Bacillus paralicheniformis* sp. nov., isolated from fermented soybean paste. *Int J Syst Evol Microbiol.* 2015; 65(10): 3487-3492.
28. Méndez Acevedo M, Carroll LM, Mukherjee M, Mills E, Xiaoli L, Dudley EG, et al. Novel effective *Bacillus cereus* group species "*Bacillus clarus*" is represented by antibiotic-producing strain ATCC 21929 isolated from soil. *mSphere.* 2020; 5(6): e00882-20.
29. McDowell RH, Sands EM, Friedman H. *Bacillus cereus*. In: Aboubakr S, Abu-Ghosh A, Adibi Sedeh P, Aeby TC, Aeddula NR, Agadi S, et al. editors. StatPearls. Treasure Island (FL): StatPearls Publishing; 2023.
30. Vuong C, Otto M. *Staphylococcus epidermidis* infections. *Microbes Infect.* 2002; 4(4): 481-489.
31. Zhang DF, Zhi XY, Zhang J, Paoli GC, Cui Y, Shi C, et al. Preliminary comparative genomics revealed pathogenic potential and international spread of *Staphylococcus argenteus*. *BMC Genomics.* 2017; 18(1): 808.
32. Irlinger F, Loux V, Bento P, Gibrat JF, Straub C, Bonnarme P, et al. Genome sequence of *Staphylococcus equorum* subsp. *equorum* Mu2, isolated from a French smear-ripened cheese. *J Bacteriol.* 2012; 194(18): 5141-5142.
33. Lin YT, Hung WC, Wan TW, Li H, Lee TF, Hsueh PR, et al. *Staphylococcus taiwanensis* sp. nov., isolated from human blood. *Int J Syst Evol Microbiol.* 2022; 72(2).
34. Pantůček R, Sedláček I, Indráková A, Vrbovská V, Mašlaňová I, Kovařovic V, et al. *Staphylococcus edaphicus* sp. nov., isolated in Antarctica, harbors the *mecC* gene and genomic islands with a suspected role in adaptation to extreme environments. *Appl Environ Microbiol.* 2018; 84(2): e01746-17.
35. Eltwisy HO, Twisy HO, Hafez MH, Sayed IM, El-Mokhtar MA. Clinical infections, antibiotic resistance, and pathogenesis of *Staphylococcus haemolyticus*. *Microorganisms.* 2022; 10(6): 1130.
36. Kamath U, Singer C, Isenberg HD. Clinical significance of *Staphylococcus warneri* bacteremia. *J Clin Microbiol.* 1992; 30(2): 261-264.
37. Heath V, Cloutman-Green E, Watkin S, Karlikowska M, Ready D, Hatcher J, et al. *Staphylococcus capitis*: review of its role in infections and outbreaks. *Antibiotics (Basel).* 2023; 12(4): 669.
38. Palilu PT, Budiarto TY. Isolation and identification of *Staphylococcus* sp. in powdered infant milk. *AIP Conf Proc.* 2017; 1844: 020016.
39. Zhang Y, Jiang Y, Zhan Y, Wang H, Qin T, Lu Z. First case report of human infection with *Micrococcus yunnanensis* identified by 16S rRNA gene sequencing: a case report. *Medicine (Baltimore).* 2022; 101(48): e32108.
40. Prakash O, Nimonkar Y, Munot H, Sharma A, Vemuluri VR, Chavadar MS, et al. Description of *Micrococcus aloeverae* sp. nov., an endophytic actinobacterium isolated from aloe vera. *Int J Syst Evol Microbiol.* 2014; 64(Pt 10): 3427-3433.
41. Zhu M, Zhu Q, Yang Z, Liang Z. Clinical characteristics of patients with *Micrococcus luteus* bloodstream infection in a Chinese tertiary-care hospital. *Pol J Microbiol.* 2021; 70(3): 321-326.
42. Diop K, Nguyen TT, Delerce J, Armstrong N, Raoult D, Bretelle F, et al. *Corynebacterium fournierii* sp. nov., isolated from the female genital tract of a patient with bacterial vaginosis. *Antonie Van Leeuwenhoek.* 2018; 111(7): 1165-1174.
43. Yassin AF. *Corynebacterium ureicelerivorans* sp. nov., a lipophilic bacterium isolated from blood culture. *Int J Syst Evol Microbiol.* 2007; 57(Pt 6): 1200-1203.
44. Roux V, Fenner L, Raoult D. *Paenibacillus provencensis* sp. nov., isolated from human cerebrospinal fluid, and *Paenibacillus urinalis* sp. nov., isolated from human urine. *Int J Syst Evol Microbiol.* 2008; 58(Pt 3): 682-687.
45. Daane LL, Harjono I, Barns SM, Launen LA, Palleron NJ, Hägblom MM. PAH-degradation by *Paenibacillus* spp. and description of *Paenibacillus naphthalenovorans* sp. nov., a naphthalene-degrading bacterium from the rhizosphere of salt marsh plants. *Int J Syst Evol Microbiol.* 2002; 52(Pt 1): 131-139.
46. Arias MA, Clark J. *Paracoccus yeei* as a cause of peritoneal dialysis

- peritonitis in the United Kingdom. *IDCases*. 2019; 15: e00486.
47. Adiguzel A, Ay H, Baltaci MO, Akbulut S, Albayrak S, Omeroglu MA. Genome-based classification of *Calidifontibacillus erzurumensis* gen. nov., sp. nov., isolated from a hot spring in Turkey, with reclassification of *Bacillus azotoformans* as *Calidifontibacillus azotoformans* comb. nov. and *Bacillus oryzae* as *Calidifontibacillus oryzae* comb. nov. *Int J Syst Evol Microbiol*. 2020; 70(12): 6418-6427.
 48. Wang X, Xue Y, Ma Y. *Virgibacillus subterraneus* sp. nov., a moderately halophilic Gram-positive bacterium isolated from subsurface saline soil. *Int J Syst Evol Microbiol*. 2010; 60(Pt 12): 2763-2767.
 49. Park JY, Kim SY. Investigation of concentration of bio-aerosol according the change of indoor temperature and humidity. *J Korea Archit Inst*. 2009; 25(11): 349-356.
 50. Ministry of Food and Drug Safety. Easy-to-understand HACCP management. Cheongju: MFDS; 2015. p.169.
 51. Carter GR. *Bacillus*. In: Carter GR, Cole Jr JR. editors. Diagnostic procedure in veterinary bacteriology and mycology. Oxford: Elsevier Science; 1990. p.221-228.
 52. Chiller K, Selkin BA, Murakawa GJ. Skin microflora and bacterial infections of the skin. *J Investig Dermatol Symp Proc*. 2001; 6(3): 170-174.
 53. Giombelli A, Hammerschmitt D, Cerutti MF, Chiarini E, Landgraf M, Franco BD, et al. High pressure spray with water shows similar efficiency to trimming in controlling microorganisms on poultry carcasses. *Poult Sci*. 2015; 94(10): 2589-2595.
 54. Kchaou M, Abuhasel K, Khadr M, Hosni F, Alquraish M. Surface disinfection to protect against microorganisms: overview of traditional methods and issues of emergent nanotechnologies. *Appl Sci*. 2020; 10(17): 6040.

〈저자정보〉

김지인(석사과정), 신혜진(석사과정), 정유정(석사과정),
서해송(석사과정), 오기택(석사과정), 박용후(석사과정),
김성균(교수)